



Molecular
Biology

Robert F. Weaver

زیست شناسی مولکولی ویور

جلد سوم - ویراست پنجم 2012

مترجمین:

دکتر مصطفی مطلبی، دکتر زهرا سیلا سهرابی، علیرضا امیری نودیجه، لیلا بدیعی فر
ملیحه داوری، شمیلا درویشچیپور آسنانده، محمد صابری انوار، محبوبه ضیائی
سمیرا قائد محمدی، سولماز میری، وحیده هدایتی، محمدرضا علیوند

(اعضای هیات علمی و دانشجویان دکتری ژنتیک مولکولی پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری)

زیر نظر:

دکتر مصطفی مطلبی - دکتر زهرا سیلا سهرابی
استاد ژنتیک مولکولی - استادیار بیوشیمی

(پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری)

خاندان زیست شناسی

۱۳۹۳

سرشناسه	ویور، رابرت فرانکلین، ۱۹۴۲ - م. Weaver, Robert Franklin
عنوان و نام پدیدآور	زیست‌شناسی مولکولی ویور / مؤلف رابرت اف. ویور مترجمین: مصطفی مطلبی او دیگران] ... زیر نظر مصطفی مطلبی، زهرا سهیلا سهیلی تهران: خانه زیست‌شناسی، ۱۳۹۳.
مشخصات نشر	ج. ۳، مصور (رنگی)، جدول (رنگی)، نمودار (رنگی)، ۲۲۰×۲۹۰ سم.
مشخصات ظاهری	۲۷۰۰۰۰ ریال، ج. ۱، ۴-۱۲-۶۹۲۶-۶۰۰-۹۷۸
شابک	۳۵۰۰۰۰ ریال، ج. ۲، ۲-۱۶-۶۹۲۶-۶۰۰-۹۷۸ ۳۳۰۰۰۰ ریال، ج. ۳، ۱-۲۶-۶۹۲۶-۶۰۰-۹۷۸
وضعیت فهرست نویسی	فایپ
یادداشت	عنوان اصلی: Molecular Biology, 5th ed, 2012
یادداشت	مترجمین جلد اول، دوم و سوم: مصطفی مطلبی، زهرا سهیلا سهیلی، علیرضا امیری نویسنده، لیلا بدیع‌فر، ملیحه داوری، شمیلا درویشعلی‌پور آستانه، محمد صابری، انور، محبوبه ضیائی، سمیرا قائدمحمدی، سولماز ملیری، وحیده هدایتی، محمدرضا علی‌وند. ج. ۲ و ۳ (پاپ اول: ۱۳۹۲) (فایپ)
یادداشت	زیست‌شناسی مولکولی
موضوع	مطلبی، مصطفی، ۱۳۳۸ - نظر
شناسه افرو	سهیلا سهیلی، زهرا، ۱۳۴۵ - نظر
شناسه افزوده	خانه زیست‌شناسی
شناسه افزوده	۱۳۹۳ / ۹ و ۵۰۶ QH
رده‌بندی کنگره	۵۷۲.۴
رده‌بندی دیوئی	۱۶۰۰۰۰
شماره کتابشناسی ملی	۳۰۰۰۰۰



خبرگزاری کتاب ایران

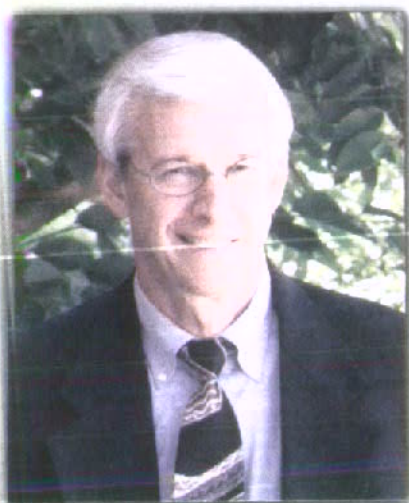
زیست‌شناسی مولکولی ویور

نام کتاب:	زیست‌شناسی مولکولی ویور (جلد سوم)
مؤلف:	رابرت اف. ویور
مترجمین:	مصطفی مطلبی و دیگران
زیر نظر:	دکتر مصطفی مطلبی و زهرا سهیلا سهیلی
ناشر:	خانه زیست‌شناسی
نوبت چاپ:	اول / ۱۳۹۳
مطابع و گرافیک:	امید عرفانی
مرور فنی و صفحه‌آرایی:	مصطفی مرادی
امور مالی چاپ:	علیرضا مرادی
لیتوگرافی / چاپ / صحافی:	سرمدی / عطف
شابک:	۹۷۸-۶۰۰-۶۹۲۶-۲۶-۱
شمارگان:	۳۰۰ نسخه
قیمت:	۳۳۰۰۰ تومان

تلفن مرکز پخش: ۴۴۴۷۷۷۴۹ و ۴۴۴۷۷۷۴۹ و ۴۴۴۷۷۷۴۹

فروش اینترنتی: www.hbio.ir

درباره نویسنده



راب ویور در شهر توبکا در ایالت کانزاس متولد شد و در شهر ارلینگتون در ایالت ویرجینیا بزرگ شد. وی مدرک لیسانس خود را در سال ۱۹۶۴ در رشته‌ی شیمی از دانشگاه وسترن شهر ووستر از ایالت آهایو اخذ نمود. مدرک دکترای بیوشیمی خود را نیز سال ۱۹۶۹ از دانشگاه دوک دریافت کرد و سپس به مدت دو سال مشغول دوره‌ی پژوهش در مقطع دکترا در دانشگاه کالیفرنیا در شهر سانفرانسیسکو بود که در آنجا او به همراه ویلیام جی راتر ساختار RNA پلیمرازهای یوکاریوتی را مورد بررسی قرار داد. او در سال ۱۹۷۱ به عنوان استاد بیوشیمی در انستیت علمی دانشگاه کانزاس پیوست. سپس به درجه‌ی دانشیاری ارتقا یافت و پس از آن در سال ۱۹۸۱ به درجه‌ی استاد تمامی نائل گشت. در سال ۱۹۸۴، او به ریاست گروه بیوشیمی شد و در این مقام خدمت کرد تا این‌که در سال ۱۹۹۵ به سمت معاونت دانشکده‌ی علوم پایه دست یافت.

پروفسور ویور در حال حاضر رئیس بخش گروه‌های علوم و انجمنیات در این دانشکده می‌باشد. این دانشکده سرپرستی ده گروه و برنامه‌ی مختلف را به عهده دارد. او به عنوان استاد علوم زیستی مولکولی در کمی در حوزه‌ی زیست شناسی مولکولی مقدماتی و زیست شناسی مولکولی سرطان را تدریس می‌کند. دانشجویان دوره‌ی تحصیلی و بالاتر در پژوهشی درباره‌ی زیست شناسی مولکولی باکولوویروسی که کرم صدف را آلوده می‌کند در آن حایشگاه تحقیقاتی شرکت داشته‌اند.

پروفسور ویور نویسنده‌ی مقالات علمی فراوانی است که همگی حاصل پژوهش‌های حمایت مالی از سوی موسسه‌های علمی سلامت، بنیاد ملی علوم و انجمن سرطان آمریکا می‌باشند. او همچنین دو کتاب در زمینه‌ی ژنتیک را به طور مشترک به رشته‌ی تحریر درآورده است و دو مقاله درباره‌ی زیست شناسی مولکولی را در مجله‌ی National Geographic به چاپ رسانده است. او به عنوان پژوهشگر انجمن سرطان آمریکا، مدت دو سال، یک سال در شهر زوریخ در کشور سوئیس یک سال در شهر آکسفورد در کشور انگلیس، مشغول تحقیق در آزمایشگاه‌های اروپا بوده است.

در سال ۱۸۹۵ گرگور مندل^۱ قوانین وراثت را کشف کرد و زیست‌شناسی را به یک علم دقیق مبدل ساخت همچنان که قابل برابری و هم‌تراز علوم شیمی و فیزیک باشد. اگرچه جامعه علمی نتوانست به فوریت، اهمیت کشف او را درک کند تا این که در سال ۱۹۰۰، کورنز^۲، دوریز^۳ و ترمارک^۴ این کار را انجام دادند. در قرن بیستم بسیاری از دانشمندان سعی کردند تا از طبیعت توصیفی علوم به سمت آشکارسازی علت‌ها و ارتباطات عملکردی حرکت کنند. در هر حال، چهار قانون اصلی مندل در ژنتیک، تکاملی در زیست‌شناسی ایجاد کرد که به زیست‌شناسان نشان داد وقت آن است که مشاهدات خود را کمی کنند و ارتباطات علت و معلولی را جستجو نمایند.

قوانین ژنتیک مندلی با قوانین ترمودینامیک قایل مقایسه بودند و بنابراین بسیاری از فیزیک‌دانان را به تحقیقات زیست‌شناسی فراخواندند. مثلاً فیزیک‌دان آلمانی ماکس دلبروچ^۵ که نخستین تحقیقات خود را در فضاوردی و فیزیک کوانتوم انجام داده بود، در اواخر سال ۱۹۳۶ به سمت مطالعه قوانین پایداری در توارث ارگانیسم‌های ساده‌ای مثل ویروس‌های باکتریایی، باکتریوفاج^۶، و میزان آن‌ها یعنی باکتری‌ها روی آورد.

این جالب است که مدت کم در آن زمان هنوز شیمی و خصوصاً بیوشیمی برای مشارکت در این زمینه‌ی جدید آماده نبوده زمینه‌ای که بعداً زیست‌شناسی مولکولی خوانده شد. پس از آن قوانین ترمودینامیک ارائه شده، به خوبی جایگاه خود را در علم شیمی و بیوشیمی پیدا کردند. بیوشیمی به طور کلی بر روی ساختن مولکول‌های جدید یعنی پلیمرهای زیستی متمرکز شد. بنابراین پلیمرهای زیستی نقش کلیدی پیدا کردند که به عنوان حاملین محافظه‌کار اطلاعات ژنتیکی شناخته شوند. درک نقش آنزیم‌ها این نظریه را حمایت کرد. شیمیاء آنزیم‌های شناخته شده هر روز بیشتر شد. با این وجود مهم‌ترین سؤال که چگونه اطلاعات وراثتی در سلول ذخیره می‌کند، پاسخ نگرفت. DNA به‌طور جدی مورد توجه قرار نگرفت. چطور یک هتروپلیمر با فقط چهار نوع مونومر مختلف می‌توانست ویژگی‌های بسیاری از ژن‌ها را توضیح دهد؟ در سال ۱۹۴۴ آوری^۷ نشان داد که نقش DNA در تغییرات ژنتیک باکتری چیست. ادامه‌ی کار^۸ دهی متخصصین فیزیولوژی بود که اولین سرنخ‌ها را برای این سؤال مهم پیدا کنند.

اروین شرودینگر^۹ در کتاب "What is the life?" در سال ۱۹۴۳ یک کد ژنتیکی را که شبیه الفبای مرس^{۱۰} بود، پیشنهاد کرد. ایده‌ی شرودینگر مورد توجه قرار نگرفت تا این که در سال‌های بعد زمانی که ضبط صوت‌های معمولی در دسترس عموم قرار گرفتند، پیشنهاد ایشان مورد توجه قرار گرفت (یک ترک خفیه با یک تعداد اندک از عناصر). آزمایشات چیس^{۱۱} و هرشی^{۱۲} از این انتقال اطلاعات ژنتیکی به وسیله‌ی DNA، خیلی بیشتر نمایان کرد (۱۹۵۱) و سرانجام وقتی واتسون و کریک ساختمان DNA را آشکار ساختند، طبیعت حفظ و نگهداری اطلاعات به کرانه‌ی تاریخی‌های مختلف بحث شد.

همان‌طور که ماکرومولکول‌های حیاتی (اسیدنوکلئیک‌ها و پروتئین‌ها) موضوع بحثات شدند، زیست‌شناسی مولکولی و بیوشیمی موضوعات غالب علمی گشتند. اکنون دانشمندان بیوشیمی از صمیم قلب در زیست‌شناسی مولکولی ایستاده‌اند که مفهوم آن بیوشیمی مرتبط با DNA و بیان آن به پروتئین‌هاست (برگرفته از: (The Evolution of Molecular Biology, EMBO Reports, Vol 5, No. 6, 2004).

1- Gregor mendel

2- Correns

3- Devries

4- Tschermak

5- Max Delbrück

6- Oswald Avery

7- Ervin Schrodinger

8- Morse code

9- Chase

10- Hershey

Robert F. Weaver استاد بازنشسته دپارتمان علوم زیستی مولکولی از دانشگاه کانزاس کتاب زیست‌شناسی مولکولی را به‌عنوان یک دوره‌ی مقدماتی در زیست‌شناسی مولکولی به رشته‌ی تحریر درآورد. رابرت ویور آموزش علوم را با تأکید بر استراتژی‌های آزمایشی و داده‌های حاصل از آن‌ها مؤثر می‌شمارد و نه اینکه صرفاً به نتایج آزمایشات توجه شود. مترجمان در انتخاب کتاب زیست‌شناسی مولکولی، نحوه‌ی تفکر و نگرش بنیادی نویسنده به مفاهیم علمی را مورد تقدیر قرار داده و برای اشاعه‌ی این نوع نگرش در آموزش مفاهیم پایه‌ای، اقدام به ترجمه نمودند. مترجمان امید دارند دانش‌پژوهان جوان از ترجمه‌ی پیش رو، بهره‌برده و در مطالعه‌ی فرایندها و تلاش‌های منجر به اکتشاف متحول‌کننده‌ی زیست‌شناسی مولکولی، توانایی و استعداد قابل ستایش آن‌ها شکوفاتر گردد. با وجود تمامی سعی و دقت به‌کار رفته در مراحل مختلف، مطمئناً این کتاب بدون اشکال نمی‌باشد. لذا از همه‌ی خوانندگان محترم تقاضا داریم در جهت رفع اشکالات احتمالی، ناخواسته و بهبود کیفیت این کتاب ما را از راهنمایی‌های ارزنده‌ی خود بهره‌مند نمایند.

پاییز ۱۳۹۲

دکتر زهرا - سهیلا سهیلی

Soheili@nigeb.ac.ir

دکتر مصطفی مطلبی

Motalebi@nigeb.ac.ir

www.ketab.ir

ای رستخیز ناگهان وی رحمت بی منتها
خورشید را حاجب تویی امید را واجب تویی

ای آتشی افروخته در بیشه‌ی اندیشه‌ها
مطلب تویی، طالب تویی، هم منتها هم مبتدا

به نظر می‌رسد، با روند رو به رشد از درک ماهیت ژن‌ها به عنوان واحدهای اطلاعاتی مجزا بر روی ساختار DNA، توجه دانشمندان و محققان علوم زیستی در رشته‌های مختلف ژنتیک و بیوشیمی و ... به شناسایی ژن‌ها، مطالعه‌ی ساختار و عملکرد آن‌ها و همچنین کشف مکانیسم‌های دخیل در تنظیم و کنترل بیان ژن‌ها در سطح مولکولی معطوف گشته است؛ بدین ترتیب رشته‌ی کاربردی دیگری در حوزه‌ی زیست‌شناسی به نام زیست‌شناسی مولکولی ظهور کرد که هر روزه حجم قابل توجهی از اطلاعات و یافته‌های جدید مولکولی به آن اضافه می‌گردد به طوری که تاکنون کتاب‌های بسیاری در این حوزه در سراسر دنیا به رشته‌ی تحریر درآمده است.

به جرأت می‌توان گفت که کتاب "Molecular Biology" نوشته‌ی Robert F. Weaver از معدود کتب موجود در رشته‌ی زیست‌شناسی مولکولی است که با نگرشی کاملاً متفاوت و جدید به شرح و تفصیل مفاهیم علمی می‌پردازد. در این کتاب، پرفسور و متخصص معروفی و تشریح مفاهیم زیست‌شناسی مولکولی، آزمایشات تجربی صورت گرفته در مسیر رسیدن به آن مفاهیم را نیز به طور کامل ارائه کرده است. بدین ترتیب، خواننده در جریان مطالعه‌ی هر مبحث این کتاب، در یک سیر تاریخی با محققان سال‌ها قبل از او همراه شده و با درک آزمایشات تجربی انجام گرفته و نتایج حاصل از آن‌ها به کشف مفاهیم مولکولی مورد نیاز می‌گردد. از ویژگی‌های ممتاز دیگر این کتاب نسبت به کتاب‌های مشابه، این است که خواننده‌ی هوشمند، در کنار دریافت اطلاعات تخصصی دقیق و مستند، می‌تواند در جریان مسیر درست و مرحله به مرحله‌ی پژوهش نیز قرار گیرد. بی‌شک چنین رویه‌ای، هم در امر تدریس و هم در یادگیری مفاهیم علمی بسیار سودمند، کاربردی و در عین حال جذاب خواهد بود. به همین دلیل و نیز به منظور بهره‌مندی هرچه بیشتر از این کتاب ارزشمند بر آن شدیم که آن را ترجمه کرده و در دسترس دانشجو و محققان جوان زیست‌شناسی قرار دهیم.

ترجمه‌ی حاضر، برگردان جدیدترین نسخه (ویرایش پنجم، ۲۰۰۶) از کتاب "Molecular Biology" با عنوان فارسی "زیست‌شناسی مولکولی ویور" می‌باشد. ویرایش جدید این کتاب در ۸ بخش و ۲۵ فصل نگارش شده است که پس از ارائه‌ی مطالب مقدماتی و مروری در چهار فصل نخست و شرح برخی از کاربردی‌ترین تکنیک‌های مولکولی در زیست‌شناسی مولکولی در فصل ۵، به طور جامع تمامی مباحث مولکولی را با اسناد و مقالات علمی مرتبط و یافته‌های جدید هر مبحث در بر می‌گیرد. در ترجمه‌ی این کتاب، با توجه به سنگین بودن برخی از مفاهیم آن، سعی شد تا ضمن حفظ و رعایت امانت‌داری کتاب، انتقال مفاهیم علمی به شیوه‌ای روان و قابل درک برای دانشجو صورت گیرد. مطمئناً این کار عاری از اشکال نیست لذا مشتاقانه پذیرای انتقادات و پیشنهادات سازنده‌ی اساتید محترم و دانشجویان گرامی در جهت بهبود و غنی‌سازی هرچه بیشتر این کتاب در چاپ‌های بعدی خواهیم بود. جهت دریافت نظر، اشکالات و ابهامات و پاسخگویی به سؤالات احتمالی خوانندگان کتاب دو آدرس الکترونیک زیر، به نمایندگی از گروه ترجمه معرفی می‌گردد.

Masoud.Davari@yahoo.com

Reza_110amiri@yahoo.com

ترجمه‌ی این کتاب میسر نمی‌شد جز در سایه‌ی لطف الهی و مساعدت و همکاری اساتید بزرگواری که در این کار همراه ما بودند. در پایان بر خود لازم می‌دانیم که از زحمات و مساعدت‌های شبانه‌روزی همکاران انتشارات خانه‌ی زیست‌شناسی برای چاپ این کتاب کمال تشکر را به جا آوریم.

گروه مترجمین - پاییز ۱۳۹۲

یکی از هیجان انگیزترین تجربیات من در دوران تحصیل، مربوط به درس زیست شناسی مولکولی مقدماتی در مقطع دبیرستان بود. استاد من از هیچ کتاب مرجعی استفاده نمی کرد، اما ما موظف بودیم که مستقیماً مقالات علمی را مطالعه نماییم. این روش ما را به چالش واداشت اما من دریافتم که روبرو شدن با چالش ها و مشکلات موجود و سپس درک نه فقط نتایج حاصل، بلکه چگونگی دستیابی به شواهدی در تأیید این نتایج، به شدت ارضاء کننده است.

با شروع تدریس درس زیست شناسی مولکولی، من چنین رویکردی را سرلوحه ی کار خود قرار دادم، اما در عین حال تلاش کردم که این چالش ها را در سطحی قابل درک برای دانشجویان دوره ی لیسانس مطرح نمایم. به این منظور، تمرکز کار را بر روی مهم ترین آزمایشات موجود در هر مقاله و شرح دقیق آن ها در کلاس قرار دادم و جهت مصورسازی مطالب ارائه شده از تصاویر دستی و فتوکپی های موجود استفاده نمودم.

این شیوه ی تدریس جواب داد و دانشجویان از آن لذت می بردند، اما من به دنبال کتابی بودم که مفاهیم زیست شناسی مولکولی همراه با آزمایشاتی که منجر به آن مفاهیم گردیدند، در آن ارائه شده باشد و دارای توضیحات روشنی باشد که ارتباط بین آزمایشات انجام شده و مفاهیم علمی را به خوبی به دانشجویان نشان دهند. بنابراین، سرانجام به این نتیجه رسیدم که بهترین راه دستیابی به یک چنین کتابی این است که خودم آن را تألیف کنم. پیش از این، من در نگارش یک کتاب موفق به نام ژنتیک مقدماتی به عنوان نویسنده همکاری داشتم که در آن نیز تا جایی که سطح علمی کتاب اجازه می داد از رویکرد طرح آزمایشات تجربی استفاده کردم. این تجربه برای من انگیزه ای شد تا شخصاً یک کتاب کامل را به رشته ی تحریر درآورم و هر مبحث را در قالب یک ماجرایی برای کسب دانش طراحی نمایم.

پیکربندی کتاب

کتاب با ۴ فصل مقدماتی آغاز می گردد که بر آنکه دانشجویان، جنبه ی مروری دارند. فصل ۱ به تاریخچه ی مختصری از علم ژنتیک اختصاص دارد. فصل ۲ به بحث پیرامون به کار آمدن خصوصیات شیمیایی DNA می پردازد. فصل ۳ مروری کلی بر مبحث بیان ژن می باشد و فصل ۴، کلیات و اصول روش های ژن را بحث می کند. تمامی این مباحث، موضوعاتی هستند که اکثر دانشجویان زیست شناسی مولکولی قبلاً در درس ژنتیک مقدماتی آموخته اند. با این حال، ممکن است برخی از دانشجویان زیست شناسی مولکولی مایل باشند تا نگاهی بر این مباحث داشته باشند و شاید لازم باشد که درک خود از آن مفاهیم را بازبینی نمایند. من در کلاس، به طور خاص به این فصول نمی پردازم. در عوض، به دانشجویان پیشنهاد می دهم در صورتی که به توضیحات بیشتری پیرامون مباحث ارائه شده در ۴ فصل نخست نیاز دارند می توانند آن ها را به بحث گذارتند. به لحاظ علمی، نگارش این ۴ فصل نسبت به مابقی کتاب در سطح پایه ای تری انجام شده است.

در فصل ۵، تعدادی از تکنیک های متداول مورد استفاده توسط زیست شناسان مولکولی شرح داده می شود. گنجاندن تمامی تکنیک های به کار رفته در این کتاب در یک فصل امکان پذیر نبود، بنابراین من تلاش کردم تا بهترین آن ها و در تعدادی از موارد، تکنیک های ارزشمندی که در جای دیگری از کتاب ذکر نشدند را در این فصل قرار دهم. در بخش این درس، من فصل ۵ را به صورتی که در کتاب ارائه شده تدریس نمی کنم. بلکه، زمانی که در طول فصول بعدی ما با تکنیکی مواجه شدیم، من دانشجویان را به این فصل ارجاع می دهم. با این روش، یادگیری تکنیک ها برای دانشجویان خسته کننده نخواهد بود؛ ضمن این که مفاهیم عمیق و رایجی از این تکنیک ها نسبتاً سنگین و پیشرفته بوده و درک دانشجویان از آن ها پس از کسب مهارت و تجربه ی بیشتر در زیست شناسی مولکولی بسیار عمیق تر می گردد.

فصول ۶ الی ۹ به بحث فرآیند رونویسی در باکتری ها می پردازند. در فصل ۶، سیستم رونویسی پایه شامل پروموتورها، خاتمه دهنده ها و RNA پلیمراز معرفی شده و چگونگی آغاز، طولی شدن و خاتمه یافتن رونوشت ها ارائه می شود. فصل ۷، کنترل رونویسی در سه اپرون مختلف را توضیح می دهد، سپس فصل ۸ به این بحث می پردازد که چگونه باکتری ها و فاژهای آن ها، رونویسی بسیاری از ژن ها را در یک زمان، اغلب از طریق استفاده از فاکتورهای سیگمای متناوب کنترل می کنند. در فصل ۹،

میان کنش. بین پروتئین‌های متصل شونده به DNA، اکثراً شامل پروتئین‌های مارپیچ-دور-مارپیچ و DNA هدفشان در باکتری‌ها بحث می‌شود.

در فصول ۱۰ الی ۱۳، بحث کنترل رونویسی در یوکاریوت‌ها ارائه می‌شود. فصل ۱۰ به معرفی سه RNA پلیمراز یوکاریوتی و پروموتورهای مورد شناسایی آن‌ها می‌پردازد. فصل ۱۱، عوامل عمومی رونویسی را معرفی می‌کند که با سه RNA پلیمراز همکاری می‌کنند و به الگوی واحد پروتئین متصل شونده به جعبه‌ی TATA که در انجام رونویسی توسط هر سه پلیمراز مشارکت دارد، اشاره می‌کند. در فصل ۱۲، عملکرد عوامل رونویسی مختص ژن یا فعال‌کننده‌ها توضیح داده می‌شوند. همچنین این فصل، ساختارهای چندین فعال‌کننده را به‌عنوان نمونه به تصویر کشیده و چگونگی میان‌کنش آن‌ها با DNA هدفشان را نشان می‌دهد. فصل ۱۳، ساختار کروماتین یوکاریوتی را شرح داده و چگونگی میان‌کنش فعال‌کننده‌ها و خاموش‌کننده‌ها با کمک فعال‌کننده‌ها و کمک‌مهارکننده‌ها جهت تغییر هیستون‌ها و در نتیجه فعال یا مهار کردن رونویسی را نشان می‌دهد.

در فصول ۱۴ الی ۱۶، برخی از رویدادهای پس از رونویسی که در یوکاریوت‌ها رخ می‌دهند، معرفی می‌شوند. در فصل ۱۴ فرایند پیرایش mRNA بحث می‌گردد. فصل ۱۵، مراحل پلی‌آدنیل شدن و کلاهک‌گذاری را شرح می‌دهد و فصل ۱۶، مجموعه‌ای جالب از دیگر رویدادها پس از رونویسی شامل پردازش tRNA و rRNA، پیرایش ترنس و ویرایش RNA را معرفی می‌کند. در این فصل همچنین چهار نوع کنترل بیان ژن در سطح پس از رونویسی شامل (۱) تداخل RNA؛ (۲) تعدیل و تنظیم پایداری mRNA (با استفاده از siRNA)؛ (۳) ترنسفرین به‌عنوان یک مثال برجسته؛ (۴) کنترل توسط ریزRNAها و (۴) کنترل ترانسپوزون‌ها در سلول‌های زایست در سطح RNAهای میان‌کنش دهنده با Piwi (piRNAs) مورد بحث قرار می‌گیرند.

فصول ۱۷ الی ۱۹ به شرح فرایند ترجمه در هر دو سلول‌های باکتریایی و یوکاریوتی می‌پردازند. در فصل ۱۷ مباحث شروع ترجمه شامل کنترل ترجمه در مرحله‌ی پیش از ترجمه می‌گردند. فصل ۱۸، چگونگی تولید شدن پلی‌پپتیدها با تأکید بر بحث تولیدسازی در باکتری‌ها را نشان می‌دهد. در فصل ۱۹، زیست‌شناسی ساختار و عملکرد دو بازیگر اصلی در ترجمه یعنی ریبوزوم‌ها و tRNA ارائه می‌گردد.

فصول ۲۰ الی ۲۳، مکانیسم‌های همانندسازی DNA، نوترکیب و جابه‌جایی را شرح می‌دهند. فصل ۲۰ به معرفی مکانیسم‌های پایه‌ی همانندسازی و ترمیم DNA و برخی از پروتئین‌های در همانندسازی (شامل DNA پلیمرازها) اختصاص یافته است. فصل ۲۱، جزئیات مراحل شروع، تولیدسازی و خاتمه‌ی همانندسازی DNA در باکتری‌ها و یوکاریوت‌ها را ارائه می‌کند. در فصول ۲۲ و ۲۳، بازآرایی‌های DNA که به‌طور طبیعی در سلول‌ها رخ می‌دهند، شرح می‌دهند. فصل ۲۲ به بحث نوترکیبی هومولوگ و فصل ۲۳ به بحث ترانسپوزیشن (جابه‌جایی) می‌پردازند.

در فصول ۲۴ و ۲۵، مفاهیم ژنومیکس، پروتئومیکس و بیوانفورماتیکس ارائه می‌شوند. فصل ۲۴ با شرح یک داستان قدیمی در مورد همسانه‌سازی موقعیتی ژن بیماری هانتینگتون آغاز می‌گردد و این داستان قوم‌نژاد را به‌عنوان نمونه انجام همسانه‌سازی موقعیتی با ژنوم انسان (و دیگر ژنوم‌ها) مقایسه می‌کند. فصل ۱۵ به شرح مباحث ژنومیکس عملکردی (ترنسکریپتومیکس)، پروتئومیکس و بیوانفورماتیکس می‌پردازد.

مباحث جدید در ویرایش پنجم

بارزترین تغییر در ویرایش پنجم، تقسیم فصل ۲۴ قبلی (ژنومیکس، پروتئومیکس و بیوانفورماتیکس) به دو فصل می‌باشد. قبلاً این فصل، بلندترین فصل کتاب بود و از آن‌جا که این حوزه‌ی علمی به‌شدت در حال رشد است، لذا تقسیم آن به دو فصل مجزا اجتناب‌ناپذیر بود. فصل ۲۴ جدید به ژنومیکس کلاسیک یعنی تعیین توالی و مقایسه‌ی ژنوم‌ها می‌پردازد. موضوعات جدید در فصل ۲۴ شامل آنالیز شباهت بین ژنوم‌های شامپانزه و انسان و نگاهی بر شباهت نزدیک‌تر بین ژنوم‌های نئاندرتال‌ها و انسان امروزی شامل شواهد اخیر از درون زادآوری بین انسان‌ها و نئاندرتال‌ها می‌باشند. این فصل همچنین شامل مطالب به‌روزی از حوزه‌ی جدید زیست‌شناسی سینتتیک (مصنوع دست بشر = Synthetic Biology) است که به‌واسطه‌ی مطالعات ژنومی بر روی

میکروارگانسیم‌ها ایجاد گردید و حاوی گزارشی از موفقیت اخیر کریگ و نتر و همکاران در ایجاد یک سلول مایکوپلاسمای زنده با یک ژنوم مصنوعی می‌باشد.

فصل ۲۵ به بررسی حوزه‌های علمی مرتبط با ژنومیکس شامل ژنومیکس عملکردی، پروتئومیکس و بیوانفورماتیکس می‌پردازد. مباحث جدید در فصل ۲۵ شامل کاربردهای جدید تکنیک‌های ChIP-chip و ChIP-seq- مورد آخر با استفاده از نسل جدید تعیین توالی DNA؛ اسپکترومتری جرمی جدایی در اثر برخورد، که برای تعیین توالی پروتئین‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد؛ و برچسب‌های میل ترکیبی کدکننده ایزوتوپ (ICATs) و نشان‌دار کردن پایدار ایزوتوپی توسط اسیدآمینها (SILAC) برای کمی کردن اسپکترومتری جرمی (MS) می‌باشند. MS کمی به‌نوبه‌ی خود انجام پروتئومیکس مقایسه‌ای را ممکن می‌سازد که به کمک آن غلظت شمار زیادی از پروتئین‌ها در گونه‌های مختلف قابل قیاس خواهد بود.

در ویرایش پنجم، تمامی فصول به غیر از فصل‌های مقدساتی به روز شده‌اند. در اینجا برخی از تغییرات مهم ذکر می‌گردد:

فصل ۵ این فصل، تکنیک‌های تعیین توالی DNA با ظرفیت بالا (نسل جدید تعیین توالی) را معرفی می‌کند. این تکنیک‌ها، حوزه‌ی ژنومیکس را متحول کرده‌اند. رسوب‌دهی کروماتین با استفاده از آنتی‌بادی (ChIP) و سنجش هیبرید دوگانه‌ی مخمری به‌خاطر کاربردهای وسیع که دارند به فصل ۵ منتقل شده‌اند. عملکرد و کاربرد انرژی‌های الکترون‌های بتا از منابع ^{35}S ، ^{14}C ، ^3H و ^{32}P اضافه شده است. تکنیک فلوروگرافی که اطلاعات مربوط به نشر انرژی‌های سطوح پایین‌تر را جمع‌آوری می‌کند، بحث می‌شود.

فصل ۶ در این فصل، بحث FRET (FRET ALFRET یا برانگیختگی لیزر تناوبی) همراه با شرح چگونگی کاربرد این تکنیک برای تأیید مدل‌ها شد. تصادف چرخه‌ی سیگما و (۲) فرضیه‌ی جنجالی شرح رونویسی بی‌ثمر اضافه شده است. همچنین در این فصل، مطالب به روز شده ساختار میلکس طولیل‌سازی باکتریایی شامل بحث مدل دو حالتی برای افزودن نوکلئوتید ارائه می‌گردد.

فصل ۷ بحث ریبوسوئیک در mRNA و *glnK* باکتری *B. Subtilis* را معرفی می‌کند که در آن محصول نهایی ژن از طریق تحریک mRNA برای تخریب خودش، بیان ژن را خراب می‌کند. همچنین در این فصل، یک ریبوزیم سرچکشی به‌عنوان یک ریبوسوئیک احتمالی در پستانداران که ممکن است مطالعات مکلیسم شباهتی عمل کند، معرفی می‌شود.

فصل ۸ در این فصل، مفاهیم فاکتورهای ضد سیگما و فاکتورهای ضد سیگما را به‌عنوان کنترل‌کننده‌های رونویسی در طول اسپورزایی *B. Subtilis* ذکر می‌شوند.

فصل ۹ این فصل بر طبیعت پویای ساختار پروتئین تأکید کرده و به بیان می‌پردازد که یک ساختار کریستالی معین تنها یکی از بی‌شمار ساختارهای فضایی متفاوت و محتمل برای یک پروتئین خواهد بود.

فصل ۱۰ در این فصل، مطالعه‌ی جدید گروه روگر کورنبرگ ارائه می‌شود که در آن حلقه‌ی آغازگر RNA پلیمراز II به‌عنوان یک عامل تعیین‌کننده‌ی کلیدی در انجام رونویسی اختصاصی شناسایی شد. همراه با بحثی در مورد چگونگی عملکرد آنزیم در تشخیص ریبونوکلئوتیدها و دزوکسی ریبونوکلئوتیدها از یکدیگر عنوان می‌شود. همچنین این فصل به معرفی مفاهیم پروموتور مرکزی و پروموتور جانبی می‌پردازد که در آن، پروموتور مرکزی حاوی هر نوع ترکیبی از عنصر TFIIB، جعبه‌ی TATA، توالی آغازکننده، عنصر پروموتوری پایین‌دستی، عنصر حرکتی پایین‌دستی و عنصر موتیف ده بوده، و پروموتور جانبی حاوی عناصر پروموتوری یا لادستی می‌باشد.

فصل ۱۱ در این فصل، مفهوم TAF‌های مرکزی - شامل انواع مرتبط با کمپلکس‌های پیش‌آغازین دسته‌ی II در دامنه‌ی وسیعی از یوکاریوت‌ها - مطرح می‌گردد و نام‌گذاری جدید (TAF_I-TAF₁₃) معرفی می‌شود که جایگزین نام قدیمی و گیج‌کننده‌ی قبلی که براساس وزن مولکولی (مانند TAF₂₅₀) تعیین شده بود، می‌گردد. همچنین این فصل آزمایشی را توصیف می‌کند که اهمیت TFIIB در تنظیم جایگاه شروع رونویسی را نشان می‌دهد. همچنین نشان می‌دهد که یک مکلیسم مشابه در آرکنی‌ها به‌کار گرفته می‌شود که از هومولوگ TFIIB استفاده می‌کند که به‌عنوان فاکتور رونویسی B شناخته می‌شود.

فصل ۱۲ در این فصل تکنیک‌های به‌دست آوردن ساختار فضایی کروموزوم (3C) معرفی شده و چگونگی استفاده از آن برای تعیین حلقوی شدن DNA بین یک تشدیدکننده و یک آغازگر نشان داده شده است. همچنین در این فصل مفهوم نقش‌گذاری طی گامت‌زایی

بیان شده است و نقش متیله شدن در نقش گذاری، به ویژه متیله شدن در نقش گذاری ناحیه ی کنترلی جایگاه *Igf2/H19* توضیح داده شده است. همچنین مفهوم کارخانه های رونویسی، که رونویسی از ژن های مختلف در آن جا صورت می گیرد، بیان شده است. در این فصل مفهوم اینهناسوزوم نیز تصحیح و به روز شده است.

فصل ۱۳: در این فصل جدولی آورده شده است که در آن همه ی راه های ممکن برای اصلاح هیستون ها در شرایط *in vivo* نمایش داده شده است. ساختار سلنوتید به همراه دو ماریج اولیه به عنوان کاندید ساختار رشته های ۳۰ nm معرفی شده است؛ و شواهدی آورده شده است که کروماتین می تواند براساس طول تکرار نوکلئوزوم، ساختارهای مختلفی را بپذیرد. همچنین در این فصل مفهوم متیله شدن هیستون های خاصی به عنوان نشان گرهای شروع و طولی سازی رونویسی معرفی شده است و چگونگی استفاده از این اطلاعات برای پی بردن به این که RNA پلیمراز II در بسیاری از ژن های کدکنده ی پروتئین در انسان بین مراحل شروع و طولی سازی در تبادل است، نشان داده شده است. در این فصل بر اهمیت اصلاحات هیستونی بر روی برهم کنش های هیستون-DNA و برهم کنش های نوکلئوزوم-نوکلئوزوم و فراخوانی پروتئین های اصلاح کننده ی هیستون و مدل سازی مجدد کروماتین نیز تأکید شده است. در نهایت این فصل نشان می دهد که چگونه PARP1 (poly[ADP-ribose] polymerase-1) می تواند از دست رفتن نوکلئوزوم از کروماتین را توسط پلی ADP-ribose یلایسون، تسهیل کند. **فصل ۱۴:** در این فصل کمپلکس تقاطع اگزونی (EJC) که طی پیرایش در هسته، به mRNA ها اضافه می شود معرفی شده و نشان داده شده است چگونه EJC می تواند از طریق تسهیل ارتباط mRNA با ریبوزوم ها رونویسی را تحریک کند. همچنین در این فصل مشخصات نووی براساس اگزون و اینترون و چگونگی تشخیص تجربی آن ها از یکدیگر معرفی شده است. این آزمایش نشان داده است که یوکاریوت های عالی تر در ابتدا از پیرایش بر اساس اگزون و یوکاریوت های پست تر از پیرایش بر اساس اینترون استفاده کرده اند.

فصل ۱۵: این فصل نشان می دهد که یک پروکس CPSF-73 (CPSF) مسئول برش دادن پیش mRNA در سیگنال پلی آدنیله شدن است. همچنین نشان می دهد که سرین ۷ به همراه با ۵ و ۲ در هفت تایی تکرار شده در CTD ی زیر واحد بزرگ RNA پلیمراز، می توانند فسفریله شوند و این فسفریله شدن سرین ۷ بیان ژن های خاصی (مثلاً ژن snRNA (U2) را از طریق کنترل پردازش انتهایی ۳' در mRNA های آن ها، کنترل می نماید.

فصل ۱۶: این فصل، آنزیم اندوریبونوکلئاز پردازش گر tRNA را به عنوان عامل برش دهنده ی نوکلئوتیدهای اضافی از انتهای ۳' یک پیش ساز tRNA یوکاریوتی معرفی می کند؛ به تیوع پیرایش ترانس در *C. elegans* اشاره می کند؛ مدل جدیدی از حذف رشته ی رهرو در siRNA ی دورشته ای - برش رشته ی رهرو توسط Ago 2 - را نشان می دهد؛ RNA های برهم کنش دهنده با Piwi (piRNA) را معرفی کرده و مدل پینگ پونگی را که آن ها برای ردیابی و غیرفعال کردن ترانسپوزون ها در سلول های زایا به کار می گیرند توضیح می دهد؛ RNA- پلیمرازهای IV و V در گیاهان و سلول های خاموش کردن ژن را توصیف می کند. همچنین این فصل گستردگی miRNA ها را شرح داده و اشاره می کند که صدها miRNA می توانند هزاران ژن گیاهی و جانوری را کنترل کنند و جهش در ژن های miRNA معمولاً دارای آثار بسیار زیان آوری می باشد. فصل ۱۶ ساخت زیستی miRNA ها به روزرسانی شده است و دو مسیر تولید miRNA معرفی می شود: مسیرهای Drosha و mirtron، این فصل اجسام P را معرفی می کند که در تخریب mRNA و مهار ترجمه نقش دارند.

فصل ۱۷: مبحث توالی های درونی ورود ریبوزوم (IRES) در ویروس های یوکاریوتی به روز شده است. برخی از ویروس ها eIF4G را می شکنند، بقایایی به نام p100 را باقی می گذارند. IRES های پلی ویروس ها به p100 متصل شده و بنابراین به ریبوزوم ها دسترسی می یابند، اما IRES های ویروس هپاتیت C مستقیم به eIF3 و IRES های ویروس هپاتیت A مستقیم به ریبوزوم ها متصل می شوند. همچنین در این فصل چگونگی تأثیر شکست eIF4G بر ترجمه ی mRNA میزبان پستاندار، توصیف شده است. انواع مختلف سلول ها به صورت متفاوت به این شکست پاسخ می دهند. در نهایت، این فصل مفهوم دور پیشگام ترجمه را توضیح می دهد و بیان می کند که در این مرحله از فاکتورهای شروع متفاوتی نسبت به تمام دورهای دیگر ترجمه استفاده می شود.

فصل ۱۸: در این فصل مفهوم فوق لغزش توضیح داده می شود که در آن یک tRNA ی منفرد که دارای U در موقعیت لغزشی خود است می تواند کدون هایی را که به هر کدام از چهار باز ختم می شوند، شناسایی کند، و شواهدی از عملکردهای فوق لغزش را

نیز ارائه می‌دهد. همچنین این فصل حالت دورگه‌ی P/I را به‌عنوان اولین حالت اتصال ریبوزوم برای fMet-tRNA^{fMet} معرفی می‌کند. در این حالت، آنتی‌کدون در جایگاه P، اما fMet و ساقه‌ی پذیرنده در جایگاه "آغاز" بین جایگاه P و E قرار گرفته‌اند. در این فصل تخریب بدون رفتن (no-go) را توصیف می‌کند که mRNA حاوی یک ریبوزوم متوقف شده را تخریب می‌کند و مفهوم تمایل کدون‌ی نیز برای تفسیر ناکارآمدی ترجمه، توضیح داده می‌شود. در نهایت در این فصل در مورد چگونگی تأثیر کند شدن ترجمه توسط کدون‌های کم‌یاب بر تاخوردگی پروتئین به‌صورت مثبت و منفی، بحث شده است.

فصل ۱۹: این فصل حاوی یک بخش جدید بر مبنای ساختارهای کریستالی اخیر از ریبوزوم در اجتماع با فاکتورهای رونویسی مختلف است. یکی از این ساختارها شامل آمینواسیل-tRNA و EF-Tu است و نشان داده شده است که tRNA برای تشکیل کمپلکس A/T حدود ۳۰ درجه خم می‌شود، این خم شدن برای صحت ترجمه لازم است و نیز هیدرولیز GTP را که باعث خروج EF-Tu از ریبوزوم می‌شود، تسهیل می‌کند. ساختار کریستالی دیگر شامل EF-G-GDP است و ریبوزوم را در حالات بعد از ترجمه‌ی E/E و P/P در مقابل حالات دورگه‌ی قبل از ترجمه‌ی P/E و A/P که به‌صورت خودبه‌خودی به‌دست آمده‌اند، نشان می‌دهد. همچنین این فصل حاوی لینک‌هایی به دو فیلم جدید و بسیار عالی از توصیف فرآیند طویل شدن و نیز نگاهی گذرا بر شروع، طویل شدن و پایان ترجمه می‌باشد. در نهایت این فصل ساختارهای کریستالی را توصیف می‌کند که عملکرد دو جزء حیاتی RFI و RF2 در محل شناسایی کدون پایان و جدایی پلی‌پپتیدها از tRNAهای آن‌ها را نشان می‌دهد.

فصل ۲۰: یک ایده جدید و شواهدی را معرفی می‌کند که همانندسازی DNA در *E. coli* در هر دو رشته غیر پیوسته می‌باشد. همچنین این فصل ACL معرفی می‌کند که یک مدل ساز مجدد کروماتین است که از طریق ماکرودمین خود توسط پلی (ADP-ریبوز) که به‌وسیله‌ی پلی (ADP-ریبوز) پلیمراز (PARP1) در جایگاه‌های شکست دورشته‌ای شکل می‌گیرند، به این جایگاه‌ها فراخوانده می‌شود.

فصل ۲۱: در این فصل ساختار کریستالی هم‌اکنون یک دیمر β متصل به یک الگوی DNA شروع کننده را نمایش می‌دهد و نشان داده شده است که گیره‌ی β حقیقتاً به دور DNA می‌زند اما DNA با زاویه‌ی ۲۰ درجه نسبت به محور افقی، درون حلقه حرکت می‌کند. همچنین این فصل حاوی تصویری جدید از یک پلیمراز (مدل تجمع جزئی *polIII) است تا نشان دهد که یک زیرواحد منفرد γ و دو زیرواحد α از طریق دمین‌های انعطاف‌پذیر انتهای C خود به هسته‌ی پلیمرازها متصل هستند. همچنین این فصل مشخص می‌کند که زیرواحد γ و محصولات یک ژن هستند اما اولی فاقد دمین انتهای C مربوط به دومی است. این فصل کمپلکس پروتئین‌های متصل شونده به ترمین (shelterin) شناخته می‌شوند، معرفی می‌کند و بر روی شش پروتئین شلترین پستانداران و نقش آن‌ها در حفاظت از تلومرها و ممانعت از ترمیم نامناسب و وقفه‌ی چرخه‌ی سلولی در پاسخ به انتهاهای طبیعی کروموزوم، تمرکز می‌کند.

فصل ۲۲: در این فصل یک شکل جدید (شکل ۲۲-۲۳) اضافه شده است تا نشان دهد چگونه الگوهای شکاف مختلف و تشکیل تقاطع هالیدی در مسیر RecBCD منجر به محصولات نوترکیبی متفاوت می‌شوند (نوترکیب‌های کراس‌اوری یا غیر کراس‌اوری).

فصل ۲۳: در این فصل گزارش شده است که piRNAهایی که ترانسپوزون‌های عنصر P را هدف قرار می‌دهند، احتمالاً سرکوب‌کننده‌ی ترانسپوزیشن در سیستم P-M هستند. به‌طور مشابه به‌نظر می‌رسد piRNAها نقش سرکوب‌کنندگی در سیستم ترانسپوزونی I-R دارند.

موارد تکمیلی

برای دانشجویان: www.mhhe.com/weaver5e

وبسایت متن کتاب زیست‌شناسی مولکولی، مکان، بهتری برای مرور موضوعات هر فصل و تسهیل مطالعه‌ی شما می‌باشد.

در این جا شما به موارد زیر دسترسی دارید:

- فایل دیجیتالی تصاویر
- پرسش‌ها

- تست‌های انیمیشنی
- لینک‌های وب
- سرفصل مطالب به صورت پاورپوینت
- پاسخ سوالات آخر هر فصل

برای اساتید: www.mhhe.com/weaver5e

وبسایت کتاب زیست شناسی مولکولی قدرت تدریس و موارد کمک آموزشی را برای اساتید و دانش آموزان افزایش می دهد. اساتید می توانند از موارد زیر استفاده کنند:

- بانک سوالات تستی و گزینه‌های نرم افزاری با تست‌های آنلاین EZ، نسخه‌ی روزمره و یا به صورت سند Word.



- پاسخ به سوالات آخر فصل
- فایل پاورپوینت از سرفصل مطالب
- مرکز نمایش تصویری McGraw-Hill

مرکز نمایش تصویری McGraw-Hill



دستورالعمل ساختاری مواد در هر کجا، هر زمان و به هر روشی که شما بخواهید! مرکز نمایش تصویری یک کتابخانه‌ی دیجیتال آن لاین است که حاوی سرمایه‌های با ارزشی مانند عکس‌ها، فیلم‌ها، پاورپوینت، انیمیشن و انواع دیگر رسانه‌ها می باشد که می توان از آنها برای تهیه‌ی سخنرانی‌های کارآمدتر، تهیه‌ی سند و کوئیزهای دیداری، وبسایت‌های آموزشی، یا عوامل حمایت کننده‌ی چاپی جذاب استفاده کرد.

گزینه‌ها



شما در حال مطالعه‌ی این کتاب هستید، بنابراین چرا بر محتویات آن احاطه نداشته باشید؟ مرکز نشر McGraw-Hill Custom، ما به شما کمک خواهیم کرد تا یک متن ایده‌آل - آن چه که همیشه تصور می کرده‌اید را با سرعت و به راحتی تهیه کنید. با داشتن ۲۰ سال تجربه در انتشار رسمی اکنون با تجربه شده‌ایم. اما در عین حال ما در McGraw-Hill، راه‌ها و ابزارهای جدید و خلاقانه‌ای را برای تهیه‌ی ارزش‌های ساده‌تر برای اضافه کردن به کتاب‌ها ارائه خواهیم کرد.

کتاب‌های الکترونیکی

به سمت پاکیزگی (سبز بودن)... چیزی است که این روزها در ذهن همه است. این امر نه تنها برای حفاظت از درختان است بلکه برای حفظ سرمایه‌ی مادی نیز مهم می باشد. کتاب‌های الکترونیکی McGraw-Hill که با قیمت بسیار پایین در دسترس هستند، از لحاظ اقتصادی به صرفه بوده و جایگزین کتاب‌های چاپی سنتی هستند. بنابراین شما بدین طریق هم به محیط زیست ... و هم به کیف پول خود کمک می کنید. برای جزئیات بیشتر به www.mhhe.com/ebooks مراجعه کنید.

بخش VII

هماندسازی DNA، نو ترکیبی و ترانسپوزیشن (جابه جایی)

فصل ۶۵: هماندسازی، آسیب دیدگی و ترمیم DNA ۸۱۹

۱-۲۰ ویژگی های عمومی هماندسازی DNA ۸۱۹

هماندسازی نیمه حفاظت شده ۸۲۰

هماندسازی نیمه ناپوسته ی DNA ۸۲۲

آغاز ساخت DNA ۸۲۵

هماندسازی دو طرفه ۸۲۷

هماندسازی حلقه ی چرخان ۸۳۰

۲-۲۰ آنزیم شناسی هماندسازی DNA ۸۳۲

سه آنزیم DNA پلیمراز در *E. coli* ۸۳۲

صحت هماندسازی ۸۳۶

DNA پلیمرازهای چندگانه ی یوکاریوت ۸۳۷

جدا شدن رشته ها ۸۳۸

پروتئین های متصل شونده به DNA ی تک رشته ای ۸۳۹

توپوایزومرازها ۸۴۱

۳-۲۰ آسیب دیدگی و ترمیم DNA ۸۴۵

آسیب ناشی از آلکیل شدن بازها ۸۴۶

آسیب ناشی از تابش فرابنفش ۸۴۷

خسارات ناشی از اشعه های گاما و X ۸۴۸

بازگرداندن مستقیم آسیب DNA ۸۴۷

ترمیم برشی ۸۵۰

ترمیم شکست های دورشته ای در یوکاریوت ها ۸۵۶

ترمیم جفت قاجور ۸۶۰

نارسای ترمیم جفت ناجور در انسان ها ۸۶۱

غلبه بر آسیب موجود در DNA بدون ترمیم آن ۸۶۱

فصل ۶۶: هماندسازی DNA، بخش دوم: جزئیات مکانیسم

۱-۲۱ آغاز ۸۷۳

مرحله ی آغازین در *E. coli* ۸۷۴

مرحله ی آغازین در یوکاریوت ها ۸۷۶

۲-۲۱ مرحله ی طولی سازی ۸۸۱

سرعت هماندسازی ۸۸۱

مولو آنزیم pol III و استمرار حرکت در هماندسازی ۸۸۲

۳-۲۱ خاتمه ی هماندسازی ۸۹۴

دکاته شدن: جدا کردن DNA های دختری ۸۹۴

پایان هماندسازی در یوکاریوت ها ۸۹۵

پروتئین های متصل شونده به تلومر پستانداران: Shelterin ۹۰۲

ساختار تلومر و پروتئین های متصل شونده به تلومر در یوکاریوت های

پست ۹۰۴

فصل ۶۷: نو ترکیبی همولوگ ۹۱۳

۱-۲۲ مسیر RecBCD برای نو ترکیبی همولوگ ۹۱۴

۲-۲۲ شواهد آزمایشگاهی برای مسیر RecBCD ۹۱۶

RecA ۹۱۶

RecBCD ۹۲۱

RuvA و RuvB ۹۲۳

RuvC ۹۲۵

۳-۲۲ نو ترکیبی میوزی ۹۲۸

مکانیسم نو ترکیبی میوزی: مرور کلی ۹۲۸

شکست دورشته ای DNA ۹۲۸

تشکیل انتهاهای تک رشته ای در DSB ها ۹۳۶

۴-۲۲ تبدیل ژنی ۹۳۶

فصل ۶۸: ترانسپوزیشن ۹۴۱

۱-۲۳ ترانسپوزون های باکتریایی ۹۴۱

۲-۲۳ ترانسپوزون های باکتریایی ۹۴۲

توالی های هدف شونده:

سامترین ترانسپوزون های باکتریایی ۹۴۲

ترانسپوزون های پیچیده تر ۹۴۴

مکانیسم های پیچیده تر ۹۴۵

۲-۲۳ ترانسپوزون های یوکاریوتی ۹۴۷

اولین مثال های عناصر جابه جا شده: Ds و Ac ی ذرت ۹۴۸

عناصر P ۹۵۰

۳-۲۳ باز آرای ژن های ایمونوگلوبولین ۹۵۱

علائم نو ترکیبی ۹۵۴

ریکامبیناز ۹۵۵

مکانیسم نو ترکیبی V(D)J ۹۵۵

۴-۲۳ رترو ترانسپوزون ها ۹۵۸

رترو ویروس ها ۹۵۸

رترو ترانسپوزون ها ۹۶۳

فصل ۲۴ مقدمه‌ای بر ژنومیکس: تعیین توالی DNA در

مقیاس ژنومی ۹۷۵

۱-۲۴ همسانه‌سازی موقعیتی: مقدمه‌ای بر ژنومیکس ۹۷۵

ابزارهای متداول برای همسانه‌سازی موقعیتی ۹۷۶

شناسایی ژن جهش‌یافته در یک بیماری انسانی ۹۷۹

۲-۲۴ تکنیک‌هایی در توالی‌یابی ژنومی ۹۸۳

پروژه‌ی ژنوم انسان ۹۸۶

ناقل‌هایی برای پروژه‌های ژنومی در مقیاس بزرگ ۹۸۷

راهکار کلون به کلون ۹۸۹

توالی‌یابی شات‌گان ۹۹۲

استانداردهای توالی‌یابی ۹۹۵

۳-۲۴ مطالعه و مقایسه‌ی ژنومی ۹۹۴

ژنوم انسان ۹۹۴

ژنومیکس شخصی ۹۹۹

ژنوم مهره‌داران دیگر ۱۰۰۰

ژنوم حداقل ۱۰۰۴

بارکد حیات ۱۰۰۶

فصل ۲۵ ژنومیکس (بیش دوم): ژنومیکس عملکردی،

پروتئومیکس و بیوانفورماتیکس ۱۰۱۳

۱-۲۵ ژنومیکس عملکردی: بیان ژنی در مقیاس ژنومی ۱۰۱۳

ترانسکریپتومیکس ۱۰۱۴

تعیین پروفایل عملکردی ژنوم ۱۰۲۵

پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتید: فارماکوژنومیکس ۱۰۳۹

۲-۲۵ پروتئومیکس ۱۰۴۲

جداسازی پروتئین ۱۰۴۲

آنالیز پروتئین ۱۰۴۳

پروتئومیکس کمی ۱۰۴۴

میان‌کنش‌های پروتئین ۱۰۴۸

۳-۲۵ بیوانفورماتیکس ۱۰۵۱

جستجوی موتیف‌های تنظیمی در ژنوم پستانداران ۱۰۵۲

خودتان از پایگاه‌های اطلاعاتی استفاده کنید ۱۰۵۴